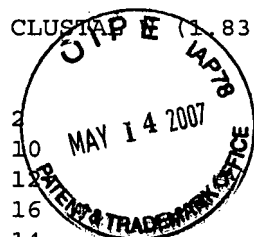


CLUSTAL W (1.83) multiple sequence alignment



```

2      -MQKLQLCVYIYLFMLIVAGPVDLNENSEQKENVEKEGLCNACTWRQNTKSSRIEAIKIQ 59
10     -MQKLQLCVYIYLFMLIVAGPVDLNENSEQKENVEKEGLCNACTWRQNTKSSRIEAIKIQ 59
12     -MQKLQISVYIYLFMLIVAGPVDLNENSEQKENVEKEGLCNACTWRQNTKSSRIEAIKIQ 59
16     -MQKLQIFVYIYLFMLIVAGPVDLNENSEQKENVEKEGLCNACTWRQNTKSSRIEAIKIQ 59
14     -MQKLQIYVYIYLFMLIVAGPVDLNENSEQKENVEKEGLCNACTWRQNTKSSRIEAIKIQ 59
4      MMQKLQMYVYIYLFMLIAAGPVDLNESEREENVEKEGLCNACTWRQNTKSSRIEAIKIQ 60
6      MIQKPQMYVYIYLFVLIAGPVDLNEDSEREANVEKEGLCNACTWRQNTKSSRIEAIKIQ 60
8      --QKLAVVYVYIYLFMQIAVDPVALDGSSQPTENAEKDGLCNACTWRQNTKSSRIEAIKIQ 58
      ** : *****: :... ** *: .*: *..***** **:* **:******

2      ILSKLRLETAPNISKDVIRQLLPKAPPLRELIDQYDVQRDDSSDGSLEDDDDYHATTETII 119
10     ILSKLRLETAPNISKDAIRQLLPKAPPLRELIDQYDVQRDDSSDGSLEDDDDYHATTETII 119
12     ILSKLRLETAPNISKDAIRQLLPKAPPLLELIDQYDVQRDASSDGSLEDDDDYHATTETVI 119
16     ILSKLRLETAPNISKDAIRQLLPKAPPLRELIDQYDVQRDDSSDGSLEDDDDYHATTETVI 119
14     ILSKLRLETAPNISKDAIRQLLPKAPPLRELIDQYDVQRDDSSDGSLEDDDDYHATTETII 119
4      ILSKLRLETAPNISKDAIRQLLPAPPLRELIDQYDVQRDDSSDGSLEDDDDYHATTETII 120
6      ILSKLRLETAPNISKDAIRQLLPAPPLRELIDQYDVQRDDSSDGSLEDDDDYHATTETII 120
8      ILSKLRLEQAPNISRDVIKQLLPKAPPLQELIDQYDVQRDDSSDGSLEDDDDYHATTETII 118
      ***** *: * : *****: ***** *****: ***** *****: *****

2      TMPTESDFLMQVDGKPKCCFFKFSSKIQYNKVVKAAQLWIYLRPVETPTTVFVQILRLIKP 179
10     TMPTESDFLMQVDGKPKCCFFKFSSKIQYNKVVKAAQLWIYLRPVETPTTVFVQILRLIKP 179
12     TMPTESDLLTQVEGKPKCCFFKFSSKIQYNKVVKAAQLWIYLRPVKTPATVFVQILRLIKP 179
16     TMPTESDLLAEVQEKPKCCFFKFSSKIQYNKVVKAAQLWIYLRPVKTPPTTVFVQILRLIKP 179
14     TMPTESDLLMQVEGKPKCCFFKFSSKIQYNKVVKAAQLWIYLRPVKTPPTTVFVQILRLIKP 179
4      TMPTESDFLMQADGKPKCCFFKFSSKIQYNKVVKAAQLWIYLRPVKTPPTTVFVQILRLIKP 180
6      TMPTESDFLMQADGKPKCCFFKFSSKIQYNKVVKAAQLWIYLRVAVKTPPTTVFVQILRLIKP 180
8      TMPTESDFLVQMEGKPKCCFFKFSSKIQYNKVVKAAQLWIYLRQVQKPTTVFVQILRLIKP 178
      *****: * : : *****: *****: *****: *****: *****: *****

2      MKDGTRYTGIRSLKLDMPGTGIWQSIDVKTVLQNLWKQPESNLGIEIKALDENGHDLA 239
10     MKDGTRYTGIRSLKLDMPGTGIWQSIDVKTVLQNLWKQPESNLGIEIKALDENGHDLA 239
12     MKDGTRYTGIRSLKLDMPGTGIWQSIDVKTVLQNLWKQPESNLGIEIKALDENGHDLA 239
16     MKDGTRYTGIRSLKLDMPGTGIWQSIDVKTVLQNLWKQPESNLGIEIKALDENGHDLA 239
14     MKDGTRYTGIRSLKLDMPGTGIWQSIDVKTVLQNLWKQPESNLGIEIKALDENGHDLA 239
4      MKDGTRYTGIRSLKLDMPGTGIWQSIDVKTVLQNLWKQPESNLGIEIKALDENGHDLA 240
6      MKDGTRYTGIRSLKLDMPGTGIWQSIDVKTVLQNLWKQPESNLGIEIKALDENGHDLA 240
8      MKDGTRYTGIRSLKLDMPGTGIWQSIDVKTVLQNLWKQPESNLGIEIKAFDETGRDLA 238
      *****: *****: *****: *****: *****: *****: *****

2      TFPGPGEGLNPFLEVKVTDTPKRSRRDFGLDCDEHSTESRCCRYPLTVDFEAFGWDWII 299
10     TFPGPGEGLNPFLEVKVTDTPKRSRRDFGLDCDEHSTESRCCRYPLTVDFEAFGWDWII 299
12     TFPGPGEGLNPFLEVKVTDTPKRSRRDFGLDCDEHSTESRCCRYPLTVDFEAFGWDWII 299
16     TFPGPGEGLNPFLEVKVTDTPKRSRRDFGLDCDEHSTESRCCRYPLTVDFEAFGWDWII 299
14     TFPGPGEGLNPFLEVKVTDTPKRSRRDFGLDCDEHSTESRCCRYPLTVDFEAFGWDWII 299
4      TFPGPGEGLNPFLEVKVTDTPKRSRRDFGLDCDEHSTESRCCRYPLTVDFEAFGWDWII 300
6      TFPGPGEGLNPFLEVKVTDTPKRSRRDFGLDCDEHSTESRCCRYPLTVDFEAFGWDWII 300
8      TFPGPGEGLNPFLEVRVTDTPKRSRRDFGLDCDEHSTESRCCRYPLTVDFEAFGWDWII 298
      *** ***: ** : *****: *****: *****: *****: *****: *****

2      APKRYKANYCSGECEFLQKYPHTHLVHQANPRGSAGPCCTPTKMSPINMLYFNGKEQI 359
10     APKRYKANYCSGECEFLQKYPHTHLVHQANPRGSAGPCCTPTKMSPINMLYFNGKEQI 359
12     APKRYKANYCSGECEFLQKYPHTHLVHQANPRGSAGPCCTPTKMSPINMLYFNGKEQI 359
16     APKRYKANYCSGECEFLQKYPHTHLVHQANPKGSAGPCCTPTKMSPINMLYFNGKEQI 359
14     APKRYKANYCSGECEFLQKYPHTHLVHQANPRGSAGPCCTPTKMSPINMLYFNGKEQI 359
4      APKRYKANYCSGECEFLQKYPHTHLVHQANPRGSAGPCCTPTKMSPINMLYFNGKEQI 360
6      APKRYKANYCSGECEFLQKYPHTHLVHQANPRGSAGPCCTPTKMSPINMLYFNGKEQI 360
8      APKRYKANYCSGECEFLQKYPHTHLVHQANPRGSAGPCCTPTKMSPINMLYFNGKEQI 358
      *****: *****: *****: *****: *****: *****: *****

```

2 IYGKIPAMVVDRCGCS 375
10 IYGKIPAMVVDRCGCS 375
12 IYGKIPAMVVDRCGCS 375
16 IYGKIPGMVVDRCGCS 375
14 IYGKIPAMVVDRCGCS 375
4 IYGKIPAMVVDRCGCS 376
6 IYGKIPAMVVDRCGCS 376
8 IYGKIPAMVVDRCGCS 374
*****.*****